

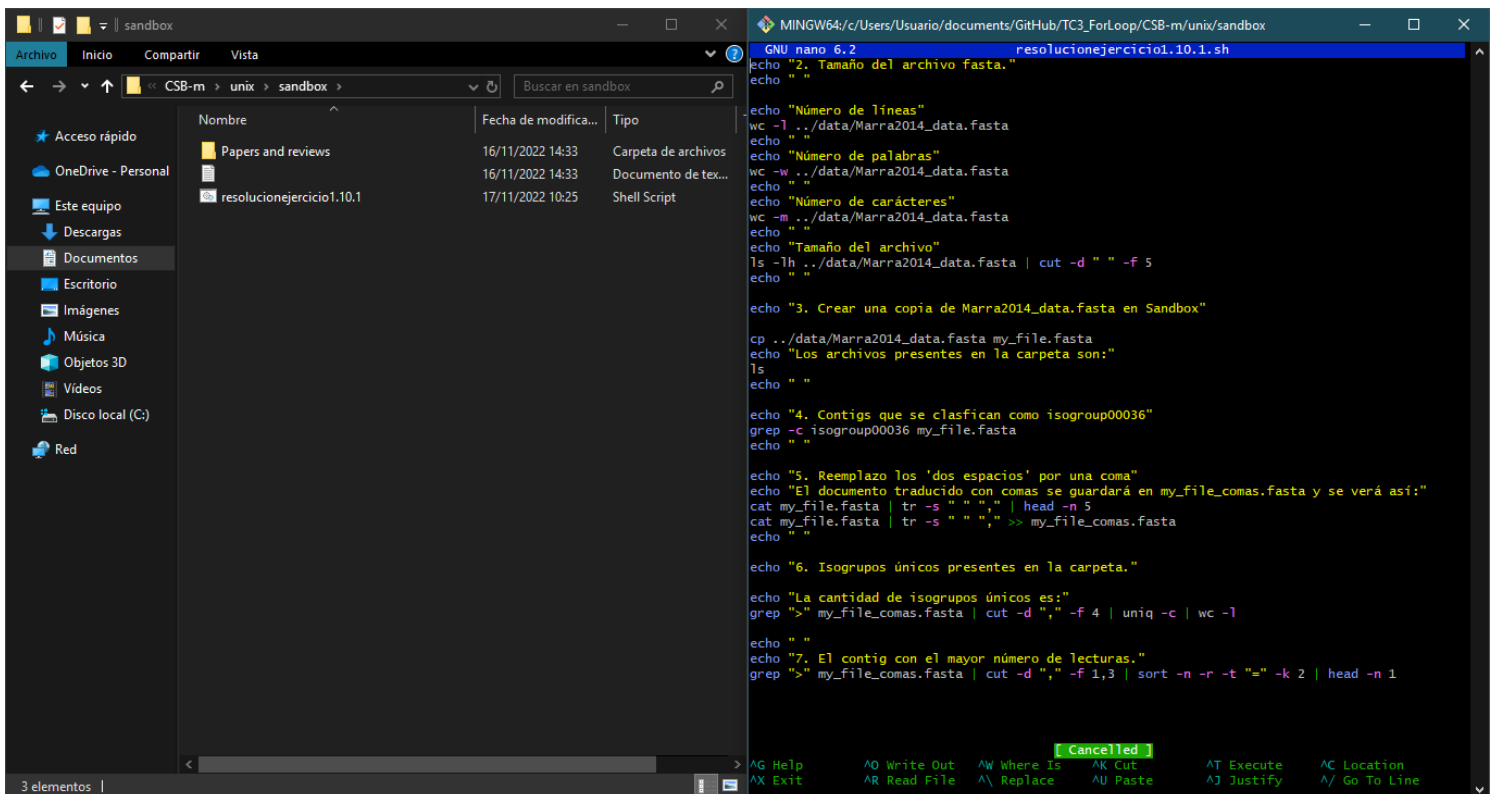
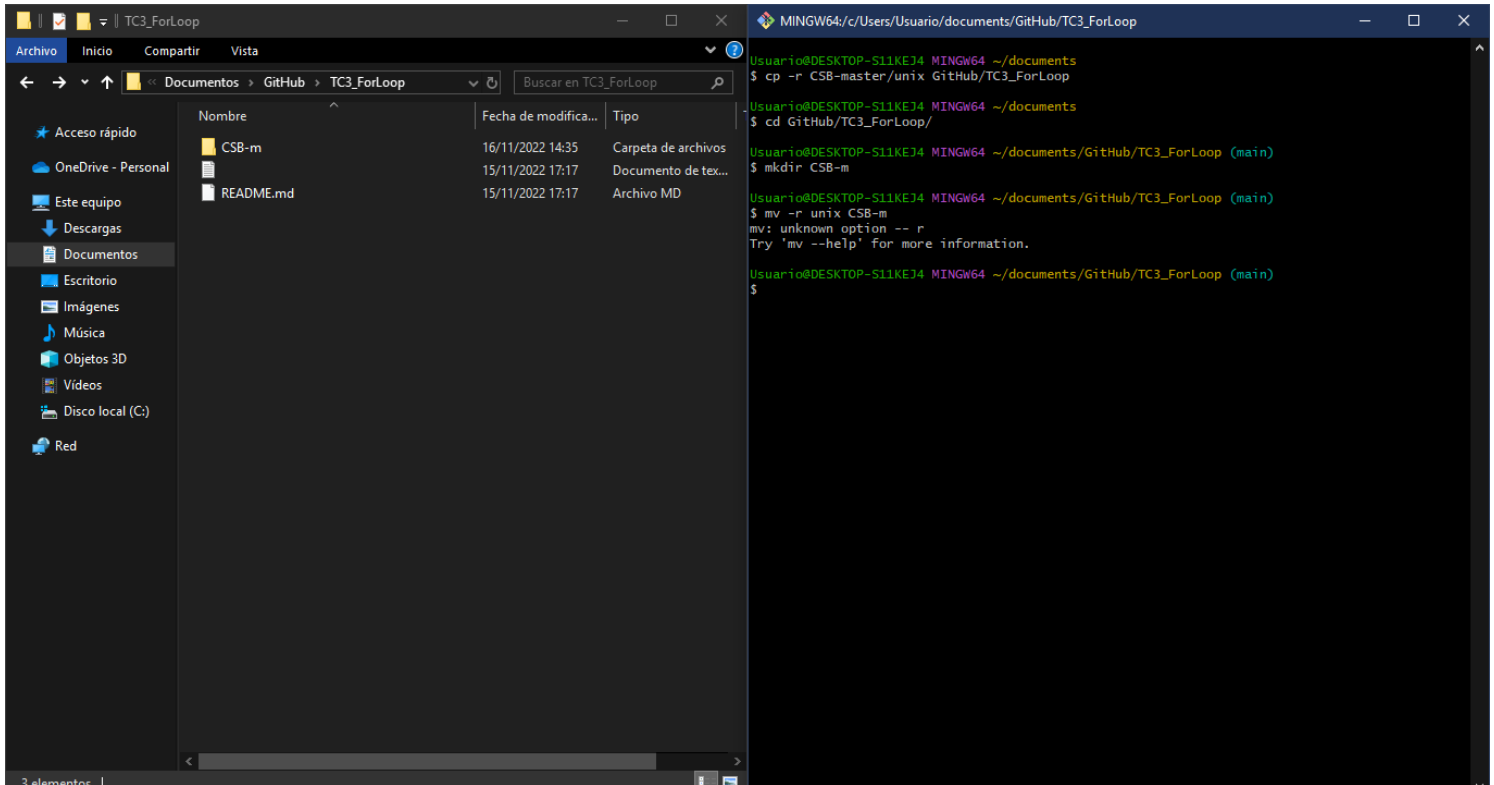
TC3_ForLoop

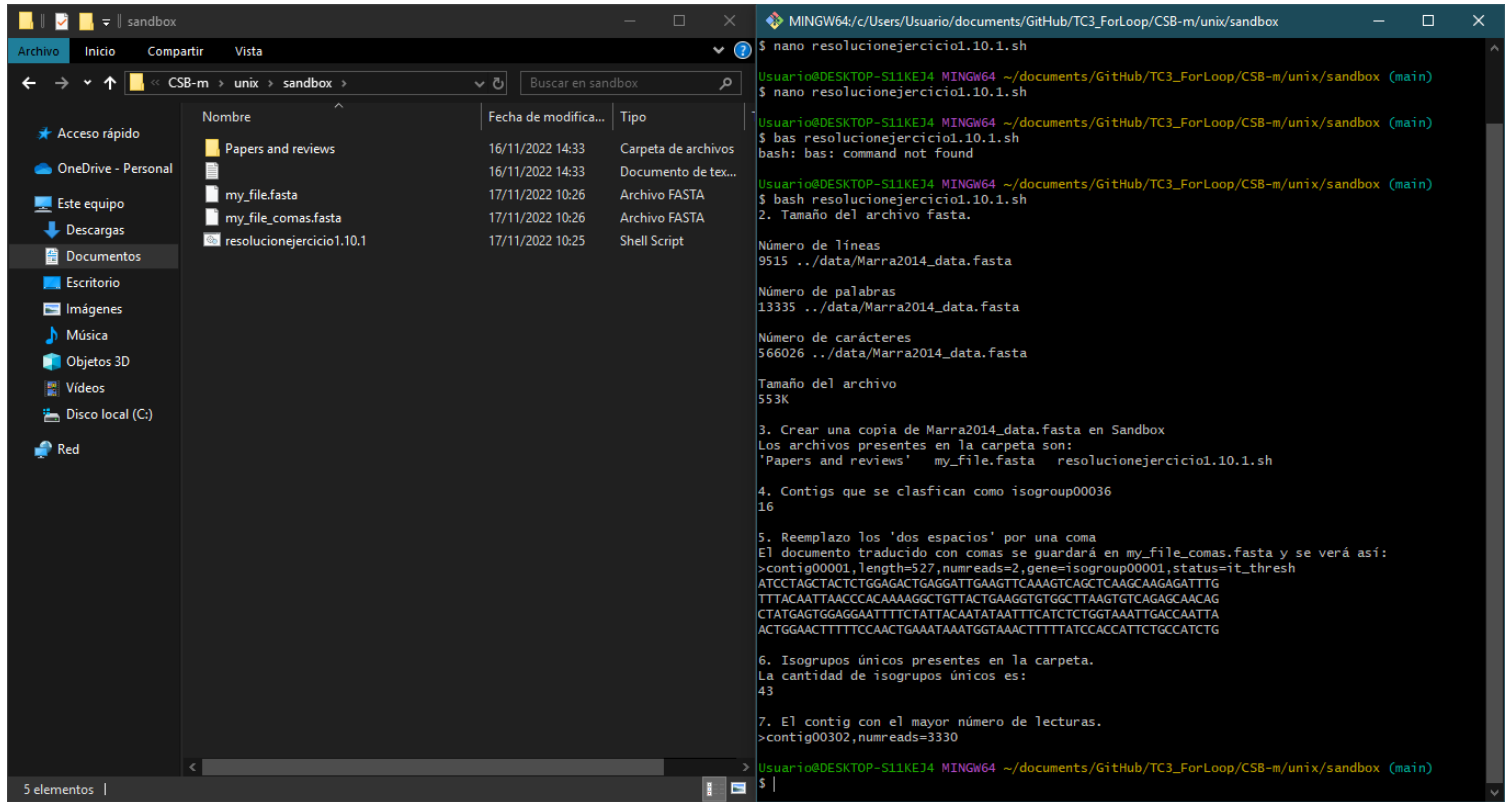
Jhon Fariños

Universidad Regional Amazónica IKIAM

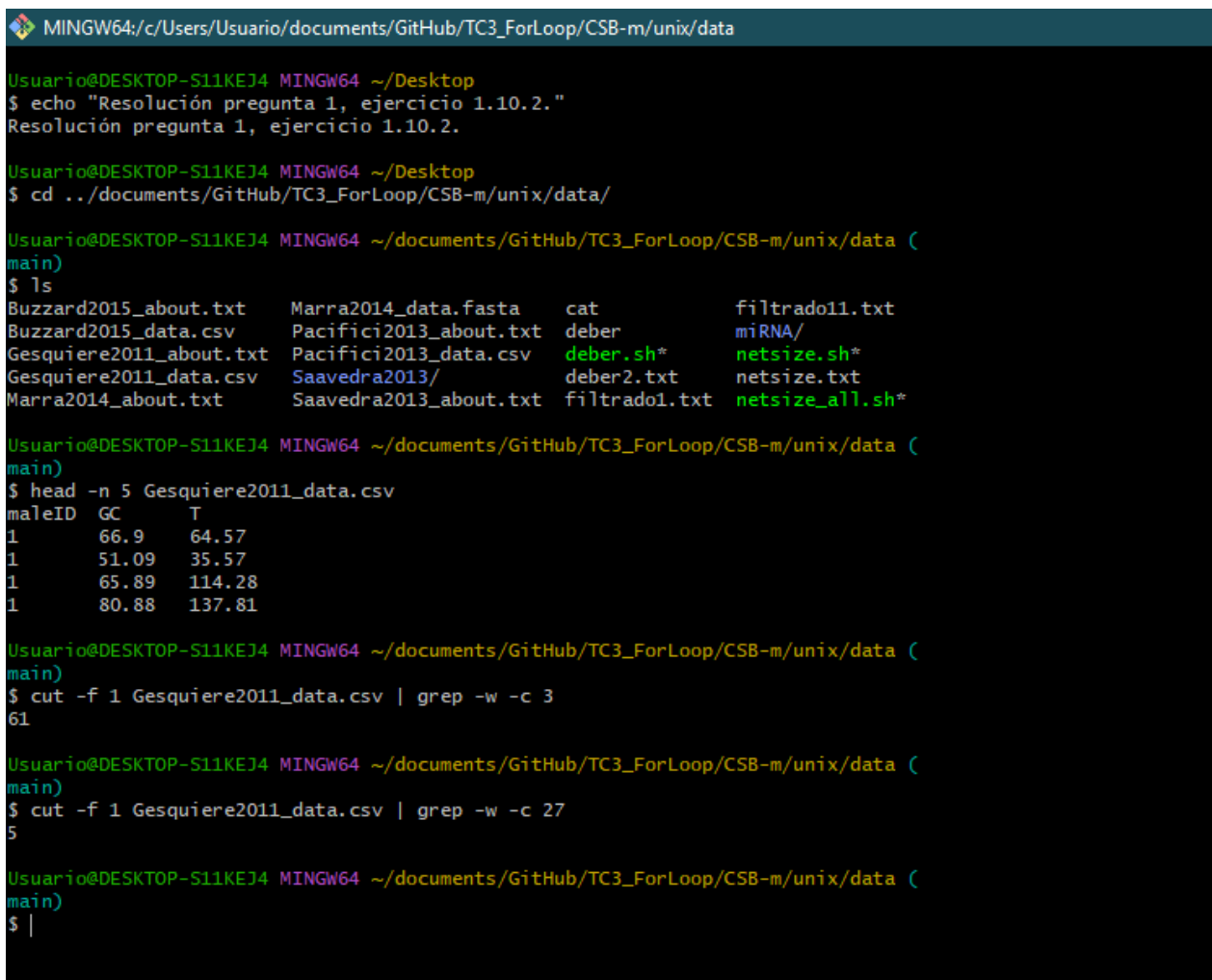
Bioinformática

1. Ejercicio 1.10.1





2. Ejercicio 1.10.2



```

MINGW64:/c/Users/Usuario/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data
Buzzard2015_about.txt  Marra2014_data.fasta  cat  filtrado11.txt
Buzzard2015_data.csv  Pacifici2013_about.txt  deber  miRNA/
Gesquiere2011_about.txt  Pacifici2013_data.csv  deber.sh*  netsize.sh*
Gesquiere2011_data.csv  Saavedra2013/  deber2.txt  netsize.txt
Marra2014_about.txt  Saavedra2013_about.txt  filtrado1.txt  netsize_all.sh*

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (
main)
$ head -n 5 Gesquiere2011_data.csv
maleID  GC      T
1      66.9    64.57
1      51.09   35.57
1      65.89   114.28
1      80.88   137.81

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (
main)
$ cut -f 1 Gesquiere2011_data.csv | grep -w -c 3
61

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (
main)
$ cut -f 1 Gesquiere2011_data.csv | grep -w -c 27
5

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (
main)
$ echo "Resolución pregunta 2, ejercicio 1.10.2."
Resolución pregunta 2, ejercicio 1.10.2.

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ nano P2E1.10.2.sh

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ nano P2E1.10.2.sh

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ bash P2E1.10.2.sh Gesquiere2011_data.csv 5
28

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ bash P2E1.10.2.sh Gesquiere2011_data.csv 3
61

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ bash P2E1.10.2.sh Gesquiere2011_data.csv 27
5

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$

```

```

MINGW64:/c/Users/Usuario/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data
GNU nano 6.2 P2E1.10.2.sh
# Con el cut elegimos la columna y el $1 nos crea una variable para elegir el documento, y con el grep contamos las lecturas del ID elegido con $2.
cut -f 1 $1 | grep -w -c $2

```

```

[ Read 3 lines ]
^G Help      ^O Write Out  ^W Where Is   ^K Cut        ^T Execute    ^C Location   M-U Undo     M-A Set Mark  M-] To Bracket M-
^X Exit      ^R Read File  ^\ Replace    ^U Paste      ^J Justify    ^/_ Go To Line M-E Redo     M-6 Copy      ^Q Where Was  M-

```

```

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ echo "Resolución pregunta 3, ejercicio 1.10.2"
Resolución pregunta 3, ejercicio 1.10.2

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ nano P3E1.10.2.sh

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ bash P3E1.10.2.sh
ID: 1 Cantidad: 10
ID: 2 Cantidad: 2
ID: 3 Cantidad: 61
ID: 4 Cantidad: 46
ID: 5 Cantidad: 28
ID: 6 Cantidad: 7
ID: 7 Cantidad: 5
ID: 8 Cantidad: 17
ID: 9 Cantidad: 4
ID: 10 Cantidad: 21
ID: 11 Cantidad: 26
ID: 12 Cantidad: 23
ID: 13 Cantidad: 16
ID: 14 Cantidad: 1
ID: 15 Cantidad: 40
ID: 16 Cantidad: 31
ID: 17 Cantidad: 3
ID: 18 Cantidad: 4
ID: 19 Cantidad: 3
ID: 20 Cantidad: 4
ID: 21 Cantidad: 12
ID: 22 Cantidad: 5
ID: 23 Cantidad: 36
ID: 24 Cantidad: 35
ID: 25 Cantidad: 35
ID: 26 Cantidad: 22
ID: 27 Cantidad: 5
ID: 29 Cantidad: 33
ID: 30 Cantidad: 63
ID: 31 Cantidad: 1
ID: 32 Cantidad: 3

```

```

GNU nano 6.2 P3E1.10.2.sh
#Tomamos la lista de todos los IDs eliminando a la fila del encabezado.
ids=`cut -f 1 Gesquiere2011_data.csv | tail -n +2 | sort -n | uniq`

#Con un bucle hacemos que funcione para todos los IDs

for babuino in $ids
do
    numero=`bash P2E1.10.2.sh Gesquiere2011_data.csv $babuino`
    echo "ID:" $babuino "Cantidad:" $numero
done

```

3. Ejercicio 1.10.3

Pregunta 1.

```
MINGW64: c:/Users/Usuario/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Desktop
$ cd ../Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ nano n1.txt
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ nano P1E1.10.2.sh
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ wc -l n1.txt
[1]+  Stopped                  wc -l n1.txt
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ wc -l n1.txt
97 n1.txt
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ head -n 1 n1.txt
1 1 1 0 1 1 1 0 1 0 1 1 0 0 0 1 1 1 1 1 1 1 0 0 0 0 1 0 1 0 1 0 0 1 1 1 1 1 0 0 1 0 1 0 0 0
0 1 1 1 0 1 0 1 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1 0 0 0 0 0 0
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ head -n 1 n1.txt | tr -d " " | wc -c
81
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ head -n 1 n1.txt | tr -d " " | tr -d "\n" | wc -c
80
```

```
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ nano P1E1.10.2.sh
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ bash P1E1.10.2.sh
Número de Filas:
97 n1.txt
Número de columnas:
80
```

```
MINGW64: c:/Users/Usuario/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013
GNU nano 6.2 P1E1.10.2.sh
#Número de filas
echo "Número de Filas:"
wc -l n1.txt
#Número de Columnas:
echo "Número de columnas:"
head -n 1 n1.txt | tr -d " " | tr -d "\n" | wc -c
```

Pregunta 2.

```
MINGW64:/c/Users/Usuario/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013
GNU nano 6.2 P2E11.10.2.sh
#Se utiliza el mismo código anterior, solo que anidado con un for.

for ar in *.txt
do
    filas=`cat $ar | wc -l`
    columnas=`head -n 1 $ar | tr -d " " | tr -d "\n" | wc -c`
    echo "Archivo:" $ar "Filas:" $filas "Columnas:" $columnas
done
```

```
MINGW64:/c/Users/Usuario/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ nano P2E11.10.2.sh

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ bash P2E11.10.2.sh
Archivo: n1.txt Filas: 97 Columnas: 80
Archivo: n10.txt Filas: 14 Columnas: 20
Archivo: n11.txt Filas: 270 Columnas: 91
Archivo: n12.txt Filas: 7 Columnas: 72
Archivo: n13.txt Filas: 61 Columnas: 17
Archivo: n14.txt Filas: 35 Columnas: 15
Archivo: n15.txt Filas: 38 Columnas: 11
Archivo: n16.txt Filas: 118 Columnas: 24
Archivo: n17.txt Filas: 76 Columnas: 31
Archivo: n18.txt Filas: 13 Columnas: 14
Archivo: n19.txt Filas: 10 Columnas: 16
Archivo: n2.txt Filas: 62 Columnas: 41
Archivo: n20.txt Filas: 18 Columnas: 7
Archivo: n21.txt Filas: 19 Columnas: 45
Archivo: n22.txt Filas: 19 Columnas: 36
Archivo: n23.txt Filas: 179 Columnas: 26
Archivo: n24.txt Filas: 80 Columnas: 28
Archivo: n25.txt Filas: 17 Columnas: 16
Archivo: n26.txt Filas: 82 Columnas: 40
Archivo: n27.txt Filas: 27 Columnas: 5
Archivo: n28.txt Filas: 90 Columnas: 19
Archivo: n29.txt Filas: 61 Columnas: 25
Archivo: n3.txt Filas: 25 Columnas: 36
Archivo: n30.txt Filas: 8 Columnas: 19
Archivo: n31.txt Filas: 28 Columnas: 25
Archivo: n32.txt Filas: 45 Columnas: 21
Archivo: n33.txt Filas: 70 Columnas: 20
Archivo: n34.txt Filas: 79 Columnas: 25
Archivo: n35.txt Filas: 14 Columnas: 8
Archivo: n36.txt Filas: 40 Columnas: 169
```

Pregunta 3.

```
MINGW64: c:/Users/Usuario/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/
CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ echo "Archivo .txt con mayor número de filas"
Archivo .txt con mayor número de filas

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ nano P2E11.10.2.sh

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ bash P2E11.10.2.sh | sort -n -r -k 2 | head -n 1
Archivo:netsize.txt Filas:5 Columnas:16

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ echo "Las especificaciones de "archivo, fila, columna" interfieren en el comando, por lo que se debe editar el archivo sh"
Las especificaciones de archivo, fila, columna interfieren en el comando, por lo que se debe editar el archivo sh

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ nano P2E11.10.2.sh

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ bash P2E11.10.2.sh | head -n 5
n1.txt 97 80
n10.txt 14 20
n11.txt 270 91
n12.txt 7 72
n13.txt 61 17

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ bash P2E11.10.2.sh | sort -n -r -k 2 | head -n 1
n58.txt 678 90

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ echo "para archivo .txt con mayor numero de columnas"
para archivo .txt con mayor numero de columnas

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data/Saavedra2013 (main)
$ bash P2E11.10.2.sh | sort -n -r -k 3 | head -n 1
n56.txt 110 207
```

Ejercicio 1.10.4

```
Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ nano Buzzard2015_data.csv

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ nano E1.10.4.sh

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ bash E1.10.4.sh
Número de columna
cut: option requires an argument -- f
Try 'cut --help' for more information.
Número de valores distintos en la columna
cut: option requires an argument -- f
Try 'cut --help' for more information.
0
Valor mínimo
cut: option requires an argument -- f
Try 'cut --help' for more information.
Valor máximo
cut: option requires an argument -- f
Try 'cut --help' for more information.

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$ bash E1.10.4.sh Buzzard2015_data.csv 7
Número de columna
biomass
Número de valores distintos en la columna
285
Valor mínimo
1.003.165.909
Valor máximo
992.915.454

Usuario@DESKTOP-S11KEJ4 MINGW64 ~/Documents/GitHub/TC3_ForLoop/CSB-m/unix/data (main)
$
```

```
echo "Número de columna"
cut -d ";" -f $2 $1 | head -n 1
echo "Número de valores distintos en la columna"
cut -d ";" -f $2 $1 | tail -n +2 | sort | uniq | wc -l
echo "Valor mínimo"
cut -d ";" -f $2 $1 | tail -n +2 | sort -n | head -n 1
echo "Valor máximo"
cut -d ";" -f $2 $1 | tail -n +2 | sort -n | tail -n 1
```